한국동물분류학회지 제6권 제1호
The Korean Journal of Systematic Zoology
Vol. 6, No. 1: 17-28 (June 1, 1990)

한국산 박새속(참새목, 박새과) 조류의 계통진화

박 병 상·현 재 범·양 서 영
(인하대학교 이과대학 생물학과)

Systematic and Evolutionary Study on the Genus *Parus* (Passeriformes: Paridae) in Korea

Park, Byung Sang, Hyun, Jae Bum and Yang, Suh Yung
(Department of Biology, Inha University, Inchon, 402-751, Korea)

ABSTRACT

Electrophoretic methods were used to examine the degree of genic variation and genetic relatedness in 11 populations representing 6 species and subspecies of the genus *Parus* in Korea.

The average degree of genic variation of 3 subspecies of *P. major* was $\bar{A}=1.2$, $\bar{P}=24.4\%$, $\bar{H}_D = 0.042$, and $\bar{H}_G=0.058$, whereas the rest of the species showed slightly lower degree of genic variation than *P. major*.

Genetic relatedness between subspecies and species in the genus *Parus* showed similar to those reported at comparable taxonomic levels in other birds. But it appears to be considerably less than that of non avian taxa. Genetic relatedness between 3 subspecies of *P. major* and *P. varius varius* was closely related ($\bar{S}=0.80$), whereas between *P. palustrius hellmayri* and *P. ater amurensis* was relatively remote ($\bar{S}=0.67$).

The presumed divergent times of *P. palustrius hellmayri*, *P. ater amurensis*, and *P. varius varius* were about 1.8, 1.6, and 1.0 million years before present respectively, and 3 subspecies of *P. major* were recently differentiated about 100 thousands years before present.

Key words: Passeriformes, genus *Parus*, electrophoresis, genic variation, differentiation, Korea.

서 론

전기영동법은 근연종 간의 계통분류 및 종분화 연구에 크게 기여하고 있다(Yang *et al.*, 1974; Yang & Patton, 1981; Yang & Park, 1982; Yang *et al.*, 1984; Zink *et al.*, 1987; Park, 1988; Dowling & Brown, 1989; Johnson *et al.*, 1989).

조류, 특히 참새목 조류는 형태가 다양하여 많은 종으로 분류되어 있으나(Raikow, 1986) 유전적으로는 매우 가까워 타 동물군에 비하여 최근에 분화되었을 것으로 알려져 있다(Avise *et al.*, 1980a, 1980b, 1980c; Barrowclough *et al.*, 1981; Gutierrez *et al.*, 1983; Zink & Johnson, 1984).

한국산 박새속(genus *Parus*) 조류의 분류는 학자에 따라 분류를 달리하여 많은 혼란이 있어 왔다(Kleinschmidt, 1913; Kuroda, 1917). Kang(1962)은 당시까지의 문헌을 토대로 한국산 박새속을 10종 및 아종으로 분류하였으나 Won(1969)은 Wetmore(1960)의 분류체계에 따라 8종 및 아종으로, Won & Gore(1971)는 남한에 분포하는 종을 기준으로 7종 및 아종으로 분류하였다. 상기 보고서에는 박새(*P. major*)에 3아종, 곤줄박이(*P. varius*)에 2아종을 분류하였으나 Won(1981)은 Vaurie(1959)의 분류목록을 근거로 아종을 분류하지 않고 4종만을 기재하였다. 최근 Kim *et al.*(1986)은 제주도산 박새를 전기영동 및 형태형질로 본토산 박새와 비교한 결과 두 집단 사이에 유전적 차이는 거의 없으나 체색에 뚜렷한 차이가 있음을 밝히고 Won & Gore(1971)의 분류대로 본토산을 박새(*P.m. wladiwostokensis*), 제주도산을 제주박새(*P.m. minor*)로 분류한 바 있다.

본 연구는 Won & Gore(1971)의 분류를 기준으로 박새(*Parus major*) 3아종(박새(*P.m. wladiwostokensis*), 제주박새(*P.m. minor*) 및 울도박새(*P.m. dageletensis*)), 쇠박새(*P. palustrius hellmayri*), 진박새(*P. ater amurensis*) 및 곤줄박이(*P. varius varius*)의 6종 및 아종을 대상으로 전기영동을 실시하여 이들의 유전적 변이, 계통분류 및 진화경로를 밝히고자 하였다.

재료 및 방법

실험재료는 1986년 1월 8일부터 1988년 10월 29일까지 전국 7개 지역에서 박새속 6종 및 아종 11개 집단 159개체를 새그물(5단×12m)과 공기총으로 채집하여 사용하였다(Table 1). 채집된 개체는 전기영동을 위하여 채집 즉시 dryice에 급냉동시켜 실험실로 운반한 후 개체별로 동량의 심장, 간장 및 신장조직을 취하여 실험재료로 사용하였다. 표본은 인하대학교 표본실에 보관하였다. 상기 조직은 4℃에서 조직과 증류수의 비율을 1 : 2로 하여 glass homogenizer로 마쇄한 후 원심분리기(Sorvall RC-5B, Roter SS-34)를 이용 39,000g(18,000 rpm)로 30분간 저온 원심분리하여 상층액을 얻고 이 상층액을 전기영동 시료로 사용하였다. 전기영동 방법은 Selander *et al*(1971)의 방법에 따라 수평전분겔 전기영동을 실시하였으며 이 때 전분겔은 11.5%의 connaught starch(Lot. No. 425-1)를 사용하였다. 전기영동에 이용된 효소, 완충액 및 전기영동 조건은 Table 2와 같다. 전기영동 결과에 따라 각 종 및 아종의 유전자형 변도를 구한 후 BIOSYS program(Swofford & Selander, 1981)을 이용하여 집단 별로 유전자 당 평균대립인자수(A), 다형형빈도(P), 이형접합자빈도(H)를 구하였다. 이 때 이형접합자빈도는 실측치(H_D)와 예측치(H_G)를 별도로 구하였다. 집단 간 및 종 간 유전적 유연관계는 Rogers(1972)의 유전적 근연치(S)와 Nei(1972)의 유전적 차이치(D)를 구하

Table 1 Collection localities, dates, and number of specimens of the genus *Parus* in Korea.

Species & Population locality	Collection date	No. of specimen
Parus major wladiwostokensis		
1. Pupyong-ri, Chinjop-myon, Namyangju-gun, Kyonggi-do	Jan. 19, 1986	5
	Mar. 24, 1988	7
2. Onbyol-ri, Kangdong-myon, Myongju-gun, Kangwon-do	Jan. 8, 1986	20
3. Dongchon-ri, Samdong-myon, Namhae-gun, Kyongsangnam-do	Oct. 10, 1986	1
	June 11, 1987	19
4. Kumsong-dong, Tongrae-gu, Pusan-si	Jan. 29, 1986	9
Parus major dageletensis		
5. To-dong, Nam-myon, Ulrung-gun, Kyongsangbug-do	Aug. 12, 1988	2
Parus major minor		
6. Songpanak, Chochon-up, Pukcheju-gun, Cheju-do	May 14, 1987	11
7. Yongsil, Sogyipo-si, Cheju-do	Apr. 16, 1988	16
Parus palustrius hellmayri		
8. Pupyong-ri, Chinjop-myon, Namyangju-gun, Kyonggi-do	Mar. 14, 1988	18
Parus ater amurensis		
9. Pupyong-ri, Chinjop-myon, Namyangju-gun, Kyonggi-do	Oct. 4, 1988	1
	Oct. 29, 1988	10
Parus varius varius		
10. Pupyong-ri, Chinjop-myon, Namyangju-gun, Kyonggi-do	Mar. 24, 1988	20
11. Yongsil, Sogyipo-si, Cheju-do	Apr. 16, 1988	20

여 비교하였고 UPGMA 방법으로 dendrogram을 작성하였다(Sneath & Sokal, 1973). 각 아종 및 종 간의 분화연대 추정은 유전적 차이치를 이용하여 Nei(1975)의 공식을 이용 산출하였다.

결 과

14개 동위효소에서 21개 유전자를 검출하여 각 종 및 아종 간의 대립인자 빈도를 구한 결과는 Table 3과 같다. 21개 유전자 중 *Aco-2, Gdh, Got-2, αGpd-1, αGpd-2, Ldh-2, Mdh-1, Mdh-2, Pgm-1* 및 *Pam-2*의 10개 유전자(48%)는 전 집단 공히 동일한 대립인자로 변이가 없었다. *Aco-1* 및 *Sdh*는 종 또는 집단에 따라 대립인자의 차이가 있었으나 변이는 발견되지 않았다. *Est-1, Got-1, Idh, Mpi* 및 *Pgi*는 집단에 따라 약간의 변이가 있었으나 *Est-2, Ldh-1, Pept* 및 *6Pgd*는 변이가 많았고 종 및 집단에 따라 대립인자빈도의 차이가 컸다.

유전적 변이정도는 제주박새(*P. major minor*) $\bar{A}=1.2$, $\bar{P}=21.4\%$, $\bar{H}_D=0.058$ 및 $\bar{H}_G=0.061$로 제일 큰 반면 진박새(*P. ater amurensis*)가 $A=1.0$, $P=4.8\%$, $H_D=0.004$ 및 $H_G=0.004$로 제일 작았다. 대체적으로 박새(*P. major*) 3 아종의 유전적 변이가 $\bar{A}=1.2$, $\bar{P}=24.4\%$, $\bar{H}_D=0.047$ 및 $\bar{H}_G=0.058$로 나머지 3종보다 컸다. 나머지 3종 중 곤줄박이(*P. varius varius*)의 유전적 변이가 쇠박새(*P. palustrius hellmayri*) 및 진박새(*P. ater amuren-*

Table 2. Buffer systems and stains for electrophoresis.

Buffer	E.C. No.	Isozyme	Volt/Time
Continuous tris citrate II	1.4. 1.2	Glutamate dehydrogenase(*Gdh*)	110 V/3 hrs
(TC II, pH:8.0)	2.6. 1.1	Glutamic oxaloacetate transaminase(*Got-1,2*)	
	1.1. 1.8	αGlycerophosphate dehydrogenase (*αGpd-1,2*)	
	1.1. 1.42	Isocitrate dehydrogenase(*Idh*)	
	1.1. 1.37	Malate dehydrogenase(*Mdh-1,2*)	
	5.3. 1.8	Mannose phosphate isomerase(*Mpi*)	
	5.3. 1.9	Phosphoglucose isomerase(*Pgi*)	
	2.7. 5.1	Phosphoglucomutase(*Pgm-1,2*	
Continuous tris citrate I	4.2. 1.3	Aconitase(*Aco-1,2*)	170 V/1.5 hrs
(TC I, pH:6.3)			
Discontinuous tris citrate	1.1.1.27	Lactate dehydrogenase(*Ldh-1,2*)	200 V/3 hrs
(Poulik, pH:8.2)	3.4.11.11	Peptidase(*Pept*)	
Lithium hydroxide	3.1.1.1	Esterase(*Est-1,2*)	300 V/3 hrs
(LiOH, pH:8.1)			
Tris maleic EDTA	1.1. 1.44	6-Phosphogluconate dehydrogenase (*6-Pdg*)	100 V/4 hrs
(TM, pH:7.4)			
Phosphate	1.1. 1.14	Sorbitol dehydrogenase(*Sdh*)	130 V/3 hrs
(pH:7.0)			

*E.C. No.:Enzyme commission number

Table 3. Allele frequencies of the genus *Parus* in Korea.

Locus	allele	*P.m. wladi.*				*P.m. dagel.*	*P.m. minor*		*P.p. hell.*	*P.a. amur.*	*P.v. var.*	
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Aco-1	a									1.00		
	b	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00		1.00	1.00
Aco-2	a.	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Est-1	a					0.25	0.05	0.03				
	b	1.00	1.00	1.00	1.00	0.75	0.95	0.97				
	c											0.03
	d										1.00	0.97
	e									1.00		
	f								1.00			

Table 3 (Continue)

Est-2	a						0.14					
	b	0.21	0.07	0.07		0.25	0.50	0.03				
	c	0.79	0.93	0.93	1.00	0.75	0.36	0.97				
	d										0.88	0.47
	e									1.00	0.12	0.53
	f								1.00			
Gdh	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Got-1	a											0.03
	b									0.04		
	c	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00		0.96	1.00	0.97
	d								1.00			
Got-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
αGpd-1	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
αGpd-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Idh	a										0.07	0.05
	b	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.93	0.95
Ldh-1	a	0.12	0.19	0.10			0.41	0.31				
	b	0.88	0.81	0.90	1.00	1.00	0.59	0.69				
	c								1.00	1.00		
	d										1.00	1.00
Ldh-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Mdh-1	a.	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Mdh-2	a.	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Mpi	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.94	1.00	1.00	0.93
	b								0.06			0.07
Pept	a		0.22	0.20	0.50	0.50	0.27	0.06			0.03	
	b	1.00	0.78	0.80	0.50	0.50	0.73	0.94			0.97	1.00
	c									1.00		
	d								0.81			
	e								0.19			
6-Pgd	a								0.05			
	b.	1.00	0.93	0.97	1.00	1.00	1.00	0.88	0.92		0.97	1.00
	c		0.07	0.03				0.12	0.03		0.03	
	d									1.00		
Pgi	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.03	1.00	1.00	1.00
	b								0.97			
Pgm-1	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Pgm-2	a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Sdh	a											1.00
	b								1.00	1.00	1.00	
	c	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00				

Table 4. Genic variation of the genus *Parus* in Korea.

	Mean No. of alleles per locus (A)	% Polymorphism per population (P)	Mean heterozygosity per individual (H_D)	(H_G)
P. m. wladiwostokensis				
1. Namyangju	1.1	9.5	0.024	0.027
2. Myongju	1.2	19.0	0.049	0.046
3. Namhae	1.2	19.0	0.029	0.034
4. Pusan	1.0	4.8	0.037	0.029
P. m. dageletensis				
5. Ulrung	1.2	14.3	0.048	0.079
P. m. minor				
6. Pukcheju	1.2	19.0	0.061	0.078
7. Sogyipo	1.2	23.8	0.054	0.044
P. p. hellmayri				
8. Namyangju	1.2	19.0	0.013	0.031
P. a. amurensis				
9. Namyangju	1.0	4.8	0.004	0.004
P. v. varius				
10. Namyangju	1.2	19.0	0.014	0.022
11. Sogyipo	1.2	23.8	0.024	0.041

sis)보다 비교적 컸다. 박새속 평균 유전적 변이정도는 $\bar{A}=1.2$, $\bar{P}=16.0\%$, $\bar{H}_D=0.032$ 및 $\bar{H}_G=0.039$였다(Table 4).

Table 3의 대립인자 빈도를 이용하여 Rogers(1972)의 유전적 근연치와 Nei(1972)의 유전적 차이치를 구한 결과는 Table 5와 같다. 박새(*P. major*)의 아종 내 집단 간 근연치는 박새(*P. major wladiwostoensis*)가 $\bar{S}=0.98$, 제주박새(*P. major minor*)가 $\bar{S}=0.95$인 반면 박새(*P. major*) 3 아종 간 평균 근연치는 $\bar{S}=0.96$으로 나타나 아종 내 집단 간 근연치와 아종 간 근연치가 유사하게 나타났다. 또한 이 값은 곤줄박이의 집단 간 근연치(S=0.92)보다 높았다. 종 간 유전적 근연치는 곤줄박이와 박새 3 아종이 $\bar{S}=0.80$으로 제일 가까웠으며 쇠박새와 진박새가 S=0.67로 제일 멀었다. 4종의 평균 종 간 근연치는 $\bar{S}=0.72$였다.

Table 5의 유전적 근연치로 dendrogram을 작성하여 상기 6종 및 아종의 유전적 유연관계를 나타낸 결과(Fig.1) 박새 3아종이 $\bar{S}=0.95$에서 제일 가깝게 group을 형성하였으며 곤줄박이가 $\bar{S}=0.80$에서 상기 group과 가깝게 group을 형성하였다. 한편 진박새(*P. ater amurensis*)와 쇠박새(*P. palustrius hellmayri*)는 각 각 $\bar{S}=0.71$ 및 $\bar{S}=0.68$에서 group을 형성하였다.

상기 종 및 아종 간의 분화연대를 추산한 결과(Fig.2) 약 180만년 및 160만년 전에 쇠박새 및 진박새가 분화되었고 약 100만년 전에 박새(*P. major*)와 곤줄박이가 분화된 것으로 추산되었다. 박새 3아종은 비교적 최근인 약 100만년 전 후에 분화된 것으로 추산되었다.

Table 5. Rogers' (1972) genetic similarity coefficients (S, above diagonal) and Nei's (1972) genetic distance coefficients (D. below diagonal) of genus *Parus* in Korea.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
P. m. wladiwostokensis											
1. Namyangju		0.97	0.98	0.96	0.96	0.95	0.97	0.67	072	0.81	0.82
2. Myongju	0.00		0.99	0.97	0.95	0.96	0.98	0.68	0.71	0.80	0.80
3. Namhae	0.00	0.00		0.98	0.96	0.95	0.98	0.68	0.71	0.80	0.80
4. Pusan	0.02	0.01	0.01		0.98	0.94	0.96	0.67	0.69	0.79	0.79
P. m. dageletensis											
5. Ulrung	0.02	0.01	0.01	0.01		0.94	0.94	0.68	0.70	0.80	0.80
P. m. minor											
6. Pukcheju	0.02	0.02	0.02	0.03	0.02		0.95	0.69	0.71	0.81	0.81
7. Sogyipo	0.00	0.00	0.00	0.02	0.02	0.02		0.67	0.72	0.81	0.81
P. p. hellmayri											
8. Namyangju	0.39	0.38	0.39	0.39	0.37	0.36	0.39		0.67	0.72	0.69
P. a. amurensis											
9. Namyangju	0.32	0.33	0.33	0.36	0.34	0.32	0.32	0.39		0.76	0.71
P. v. varius											
10. Namyangju	0.20	0.20	0.20	0.22	0.21	0.18	0.20	0.32	0.27		0.92
11. Sogyipo	0.19	0.20	0.20	0.22	0.20	0.18	0.19	0.35	0.33	0.06	

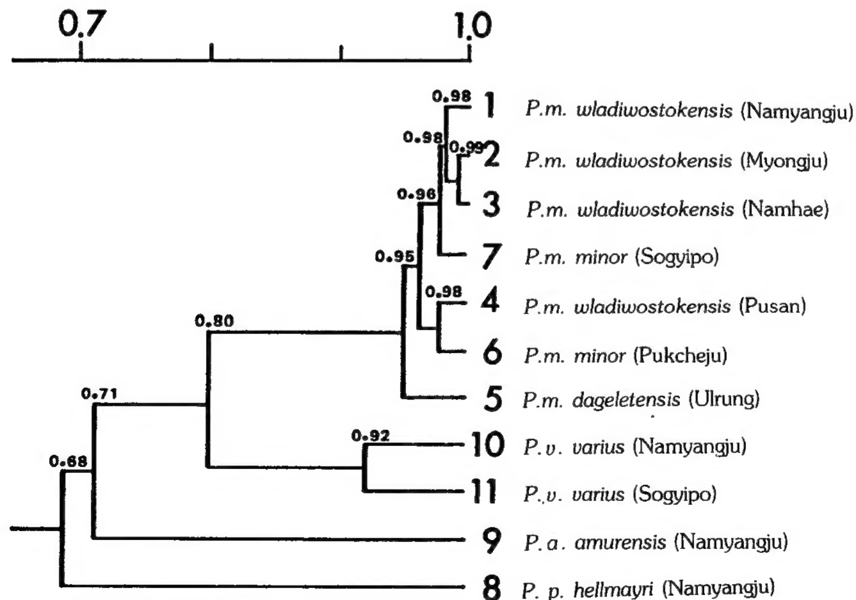


Fig. 1. Phenogram of the genus *Parus* in Korea based on Rogers's value and UPGMA method.

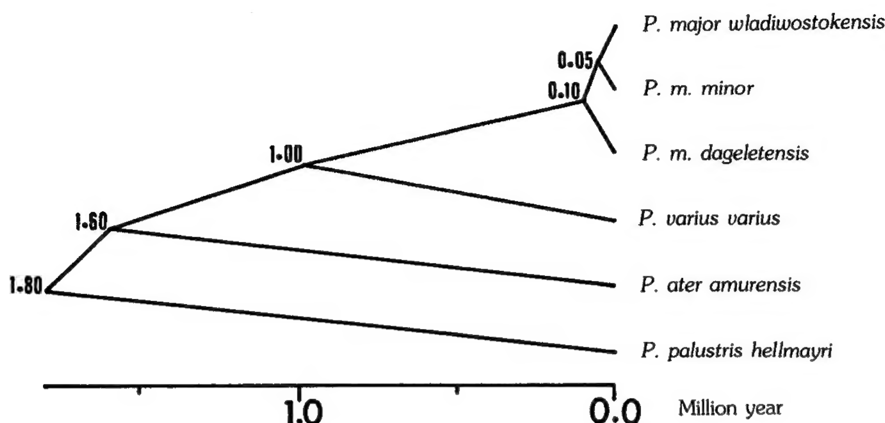


Fig. 2. Estimsted divergent times among 6 subspecies and species of the genus *Parus* in Korea using Nei's formula (Nei, 1975).

고 찰

본 실험 결과 박새(*P. major*) 3아종의 유전적 변이는 조류의 일반적인 유전적 변이정도와 유사하였으며(Barrowclough & Corbin, 1978; Avise *et al.*, 1980a, 1980b; Yang & Patton, 1981; Zink 1982; Zink & Johnson, 1984; Barrowclough *et al.*, 1985; Marten & Johnson, 1986) 집단 및 아종간 유전적 근연치는 S=0.95 이상으로 매우 높았다. 이는 박새 3아종이 타종에 비하여 집단이 크고 비교적 안정된 상태에 있기 때문으로 추측된다(Soule, 1976). 쇠박새(*P. palustrius hellmayri*), 진박새(*P. ater amurensis*), 곤줄박이(*P.varius varius*)의 유전적 근연치는 일반적인 조류의 종 간 유전적 근연치와 유사하였으나(Zink, 1982, 1988; Zink & Johnson, 1984) 유전적 변이정도가 낮은 이유는 집단의 크기가 비교적 작기 때문에 병목현상 또는 유전적 부동등이 원인일 것으로 여겨진다(Nei *et al.*, 1975; Yang & Patton, 1981).

일반적으로 참새목 조류는 유전적으로 매우 가까워(Avise *et al.*, 1980a, 1980b, 1980c; Barrowclough *et al.*, 1981; Gutierrez *et al.*, 1983; Zink & Johnson, 1984; Johnson *et al.*, 1989) 조류의 속간 근연치가 양서류 및 포유류의 집단간(Avise & Aquadro, 1982) 또는 아종 간(Barrowclough & Corbin, 1978) 근연치와 유사하다. 이는 조류의 종분화가 비교적 최근에 활발히 진행되어(Yang & Patton, 1981; Zink, 1982) 빠른 시간에 다양한 환경에 방사진화되었기 때문으로 본다(Raikow, 1986). 한국산 박새속 조류도 유전적으로 가까운 것으로 보아 최근에 분화된 것으로 추측된다.

Lee & Lee(1989a, 1989b)는 한국산 박새속 4종의 핵형을 분석한 결과 5번 및 W 염색체에서는 박새(*P. major wladiwostokensis*)와 진박새(*P. ater amurensis*), 그리고 쇠박새(*P. palustrius hellmayri*)와 곤줄박이(*P. varius varius*)가 유사하였고 Z 염색체에서는 박새와 진박새가 유사하였으며 C-banding 염색 결과는 4종 공히 많은 염색체에서 차이가 현저한 점을 밝히고, 이와 같은 종 간 핵형의 차이는 5번 염색체의 pericentric inversion 또는 성염색체의 translocation에 의한 염색체 재배열의 결과로 추측한 바 있다. 이것으로 보아 한국산 박새속 조류의 분화에는 염색체 변이가 크게 관여되었을 것으로 추측된다.

즉, 곤줄박이는 약 100만년 전에 5번 및 성염색체의 변이로, 진박새는 약 160만년 전에 Z

염색체 변이로, 그리고 쇠박새는 약 180만년 전에 5번 및 성염색체의 변이로 각각 분화되었을 것으로 추정되는데 박새의 유전적 변이정도가 상기 3종보다 높은 것으로 보아 상기 3종은 박새에서 분화되었을 것으로 보인다. 한편, 박새(*P. major wladiwostokensis*)와 제주박새(*P. major minor*)는 염색체상으로는 차이가 없는 것으로 보아(Lee & Lee, 1989a) 박새 3아종은 염색체 변이보다는 서식환경 차이에 의한 형태변이로 분화하였을 것으로 사료된다.

종 간 분화연대 추정은 molecular clock 설(Sarich, 1977; Wilson *et al.*, 1977; Thrope, 1982)을 근거로 여러가지 산출공식에 따라 추산된다. Yang & Patton(1981)은 남미산 참새목(Passeriformes) 조류 Galapagos finch의 분화연대를 Nei(1975)의 분화연대 산출공식 $t=5\times10^6D$ (D=Nei's D, 1972)로 산출한 반면 Gutierrez *et al.*(1983)은 북미산 닭목(Order Galliformes)에서 $t=26.3\times10^6D$로, Marten & Johnson(1986)은 $t=19.7\times10^6D$로 각각 분화연대를 산출하여 분화연대 산출공식에 따라 5배 이상 분화연대의 차이가 발생한다. 그러나 어떠한 분화연대 산출공식을 사용하여도 조류는 타 척추동물보다 최근에 분화된 것으로 나타난다(Sarich, 1977; Zink, 1982). 본 연구에서는 Nei(1975)의 분화연대 산출공식을 사용하였다. 이 결과 한국산 참새목, 박새속 조류는 한국산 양서류의 *Rana*속(Yang *et al.*,1988) 및 *Hyla*속(Yang & Park, 1988)의 분화시기보다 최근에 분화된 것으로 나타났다.

요 약

한국산 박새속(*Parus*) 6종 및 아종 11개 집단 159개체를 재료로 전기영동을 실시, 이들의 계통분류 및 종분화를 조사하였다. 박새(*P. major*) 3아종의 평균 유전적 변이정도는 일반적인 조류의 유전적 변이정도와 대체로 유사하였으나 나머지 종은 변이정도가 낮았다. 박새 3아종의 집단 간 및 아종 간 유전적 근연치는 공히 $\bar{S}=0.95$ 이상으로 높았으며 이들은 집단간 근연치와 아종 간 근연치가 유사하였다. 종간에는 박새(*P. major*)와 곤줄박이(*P. varius varius*)의 유전적 근연치가 $\bar{S}=0.80$으로 제일 높았고 쇠박새(*P. palustrius hellmayri*)와 진박새(*P. ater amurensis*)가 $\bar{S}=0.67$로 제일 낮았다. 4종 평균 유전적 근연치는 $\bar{S}=0.72$로 일반적인 조류의 근연치와 유사하였다. 이들의 분화연대를 추정한 결과 쇠박새는 약 180만년 전에 박새속 조류의 공통조상에서 분화되었다고 추정되며 그후 진박새는 약 160만년 전, 곤줄박이는 약 100만년 전에 각각 분화되었고 박새 3아종은 약 10만년 전후에 분화되었을 것으로 추산된다.

참 고 문 헌

Avise, J. C. and C. F. Aquadro, 1982. A comparative summary of genetic distances in the vertebrates. Ecol. Biol., **15**: 151-185.

Avise, J. C., J. C. Patton, and C. F. Aquadro, 1980a. Evolutionary genetics of birds. I. Relationships among North American thrushes and allies. Auk, **97**: 135-147.

Avise, J. C, J, C. Patton, and C. F. Aquadro, 1980b. Evolutionary genetics of birds II. Conservative protein evolution in North American sparrows and relatives. Syst. Zool, **29**: 323-334.

Avise, J. C., J. C. Patton, and C. F. Aquadro, 1980c. Evolutionary genetics of birds. Comparative melecular evolution in New World warblers and rodents. J. Heredity, **71**: 303-310.

Barrowclough, G. F. and K. W. Corbin, 1978. Genetic variation and differentiation in the Parulidae. Auk, **95**: 691-702.

Barrowclough, G. F., K. W. Corbin, and R.M. Zink, 1981. Genetic differentiation in the Procellariiformes. Comp. Biochem.

Physiol., **69B**: 629-632.

Barrowclough, G. F., N. K. Johnson, and R.M. Zink, 1985. On the nature of genic variation in birds. In: Current Onithology, Vol. 2 (Johnston, R.F.,ed.), Plenum Publ Co., New York, pp.135-154.

Dowling, T. E. and W. M. Brown, 1989. Allozymes, mitochondrial DNA, and levels of phylogenetic resolution among four minnow species (*Notropis*: Cyprinidae). Syst. Zool., **38**: 126-143.

Gutierrez, R. J., R. M. Zink, and S. Y. Yang, 1983. Genic variation,systematic, and biogeographic relationships of some Galliform birds. Auk, **100**: 33-47.

Johnson, N. K., J. A. Marten, and C. J. Ralph, 1989. Genetic evidence for the origin and relationships of Hawaiian honeycreepers (Aves: Fringillidae). Condor, **91**: 379-396.

Kang, Y. S., 1962. Illustrated encyclopedia. the fauna of Korea (3). Aves. Ministry of Education, Seoul. (In Korean)

Kim, S. W., J. H. Shim, and S. Y. Yang, 1986. Taxonomic study on the subspecies of two Passerine birds in Korea. Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ., **7**: 123-131.(In Korean)

Kleinschmidt, 1913. *Parus wladiwostokensis*. Flco. IX, p.33(Waldivoslok).

Kuroda, N., 1917. On one new genus and three new species of birds from Corea and Tsushima. Tori, **1**: 1-6.

Lee, S. K. and H. Y. Lee, 1989a. Karyotypes of the Korean birds. I. karyoloqical analysis on four species of genus *Parus* by conventional Giemsa staining method. Kor. J. Zool., **32**: 358-364. (In Korean)

Lee, S. K. and H. Y. Lee, 1989a. Karyotypes of the Korean birds. II. karyological analysis of four species of genus *Parus* by C. banding method. Kor. J. Zool., **32**: 365-373. (In Korean)

Marten, J. A. and N. K. Johnson, 1986. Genetic relationships of North American cardueline finches. Condor, **88**: 409-420.

Nei, M., 1972. Genetic distance between populations. Amer. Nat., **106**: 283-292.

Nei, M., 1975. Molecular population genetics and evolution. Amsterdam, North Holland.

Nei, M., T. Maruyama, and R. Chakraborty, 1975. The bottleneck effect and genetic variability in populations. Evolution, **29**: 1-10.

Park, B. S., 1988. Systematic study on the genus *Cobitis* in Korea. Ph.D. Dissertation, Inha University. (In Korean)

Raikow, R. T., 1986. Why are there so many kinds of Passerine birds? Syst.Zool., **35**: 255-259.

Rogers, J. S., 1972. Measure of genetic similarity and genetic distance. Studies in Genetics VII ., Univ. Texas Publ., **7213**: 145-153.

Sarich, V. M., 1977. Rates, sample sizes, and the neutrality hypothesis for electrophoresis in evolutionary studies. Nature, **265**: 24-28.

Selander, R. K., M. H. Smith, S. Y. Yang, W. E. Johnson, and J. B. Gentry, 1971.Biochemical polymorphism and systematics in the genus *Peromyscus*. I.Variation in the old-field mouse (*Peromyscus polionotus*). Studies in Genetics VII. Univ. Texas Publ., **7103**: 40-90.

Sneath, P. H. A. and R. R. Sokal, 1973. Numerical taxonomy. W.H. Freeman, Co, San Francisco.

Soule, M., 1976. Allozyme variation: Its determinants in space and time.In: Molecular evolution (Ayala, F. J. ed), Sinauer Assoc. Inc., Sunderland, Massachusetts. pp. 60-77.

Swofford, D. and R. B. Selander, 1981. BIOSYS-1: a FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. J. Heredity. **72**: 281-283.

Thorpe, J. P., 1982. The molecular clock hypothesis: biochemical evolution, genetic differentiation, and systematics. Ann. Rev. Ecol. Syst., **13**: 139-168.

Vaurie, C., 1959. The birds of the Palaearctic fauna. I. Passeriniformes. Witherby, London, p. 762.

Wetmore, A., 1960. A classification for the birds of the world. Smiths. Misc. Cols., 139: 37.

Wilson, A. C., S. S. Carlson, and T. J. White, 1977. Biochemical evolution. Annu. Rev. Biochem., **46**: 573-639.

Won, P. O., 1969. An annotated checklist of the birds of Korea. Forest Research Institute, Seoul. (In Korean)

Won, P. O., 1981. Illustrated flora and fauna of Korea. Vol. 25, Avifauna. Ministry of Education, Seoul. (In Korean)

Won, P. O. and M. E. T. Gore, 1971. The birds of Korea. Taewon publ. Co.,Seoul.

Yang, S. Y. and B. S. Park, 1982. Genic variation and systematics of the subfamily Acheilognatinae(Cyprinidae) in Korea. Annu. Rep. Biol. Res., Jeonbug Natl. Univ., **3**: 25-32. (In Korean)

Yang, S. Y. and B. S. Park, 1988. Speciation of the two species of the genus *Hyla* (Anura) in Korea. Kor. J. Zool., **31**: 11-20. (In Korean)

Yang, S. Y., B. S. Park and J.H. Kim, 1989. Systematic studies of the genus *Cobitis* (Pisces: Cobitidae) in Korea. I. Geographic varaition and classification of *Cobitis koreensis*. Kor. J. Zool., **32**: 242-251. (In Korean)

Yang, S. Y., C. H. Yu and B. S. Park. 1988. Natural hybridization and reproductive isolating mechanisms between two species of *Rana nigromaculata* and *Rana plancyi* (Anura). Kor. J. Zool., **31**: 1-10. (In Korean)

Yang, S. Y., M. Soule and G. C. Gorman, 1974. *Anolis* lizards of the Eastern Caribbean: a case study in evolution. I. Genetic relationships, phylogeny, and colonization sequence of the *Roquet* group. Syst. Zool., **23**: 387-399.

Yang, S.Y. and J.L. Patton, 1981. Genic variability and differentiation inthe Galapagos finches. Auk, **98**: 230-242.

Yang, S. Y., S. R. Jeon, I. Y. Choo and J. H. Kim, 1984. Genetic variation and systematics in the subfamily Danioninae (Fishes). Bull. Inst. Basic Sci., Inha Univ., **5**: 111-118. (In Korean)

Zink, R. M., 1982. Patterns of genic and morphologic variation among sparrows in the genera *Zonotrichia, Melospiza, Junco,* and *Passerella.* Auk, **99**: 632-649.

Zink, R. M., 1988. Evolution of brown towhees: allozymes, morphometrics, and species limits. Condor, **90**: 72-82.

Zink, R. M., D. F. Lott, and D. W. Anderson, 1987. Genetic variation, population structure, and evolution of California quail. Condor, **89**: 395-405.

Zink, R. M. and N. K. Johnson, 1984. Evolutionary genetics of flycatchers. I. Sibling species in the genera *Empidonax* and *Contopus.* Syst. Zool., **33**: 205-216.

수령 : 1990. 1. 30
채택 : 1990. 4. 28